

FIGURE 1

ATGGGTTCCATGCGTCTATT 20  
 M G S M R L L

----- prx9+ ----->  
 AGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTATGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCA 80  
 V V A L L C A F A M H A G F S V S Y A Q 1  
 signal sequence

GCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGT 140  
 L T P T F Y R E T C P N L F P I V F G V 21

----- prx12+ ----->  
 AATCTTCGATGCTTCTTTTACCGATCCCCGAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTT 200  
 I F D A S F T D P R I G A S L M R L H F 41  
 active site

I <-----  
 TCATGATTGCTTTGTTCAAG GTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAAT 260  
 H D C F V Q G C D G S V L L N N T D T I 61

--prx10- --- ----- prx2+ ----->  
 AGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAA 320  
 E S E Q D A L P N I N S I R G L D V V N 81

TGACATCAAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATTCT 380  
 D I K T A V E N S C P D T V S C A D I L 101

II  
 TGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTG GGAGGAGGTCCAGGATGGCCAGTTCCATT 440  
 A I A A E I A S V L G G G P G W P V P L 121

AGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCTTGCAAATCAAAACCTTCCAGCACC 500  
 G R R D S L T A N R T L A N Q N L P A P 141

TTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGA 560  
 F F N L T Q L K A S F A V Q G L N T L D 161

III  
 TTTAGTTACACTCTCAG GTGGTCATACGTTTGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAA 620  
 L V T L S G G H T F G R A R C S T F I N 181  
 heme-binding domain

CCGATTATACAACCTTCAGCAACACTGGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTT 680  
 R L Y N F S N T G N P D P T L N T T Y L 201

AGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGA 740  
 E V L R A R C P Q N A T G D N L T N L D 221

CCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGG 800  
 L S T P D Q F D N R Y Y S N L L Q L N G 241

CTTACTTCAGAGTGACCAAGAACTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCCCATTGT 860  
 L L Q S D Q E L F S T P G A D T I P I V 261

<----- prx6- ----->  
 CAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAA 920  
 N S F S S N Q N T F F S N F R V S M I K 281

AATGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAATGTAATTT 980  
 M G N I G V L T G D E G E I R L Q C N F 301

TGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTAGCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCT 1040  
 V N G D S F G L A S V A S K D A K Q K L 321

TGTGCTCAATCTAAATAAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAA 1100  
 V A Q S K \* 326

FIGURE 1

AGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTG	1160
TGCATGTCAATTCGATTTTGCCATGTACCTCTTGGAATATTATGTAATAATTATTTGAAT	1220
CTCTTTAAGGTACTTAATTAATC (A) n	

FIGURE 2

	10	20	30	40	50	60
1	GCATCATATCATAAACAATACGTACGTGATATTATCTAGTGTCTCTCAGTTTACTTTATG					
61	AGAAATTATTTTTCTTTAAAAAAGTTAATTAATAAAAAACATTTGCGATACCGTGAGTTA					
121	CAAGAAATCCGCCGAATTCATCTCTATAAATAAAAGGATCTATATGAGAGGTAAAATCAT					
181	ATTAAC TCAAAATGGGTTCCATGCGTCTATTAGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTA					
241	TGCATGCAGGTTTTTTCAGTCTCTTATGCTCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACAT					
301	GTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTCACCGATCCCC					
361	GAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGTACGTACTT					
421	TTTTTTTTTCTTCCAAAATGCCCTGCATATTTAACAAGATTGCTTTGTTTACCTAGAAAA					
481	ATGTGTTTTTTTTCAACGATCTTACGTACGTTTGTGTTGGTTTGAAAAATAAATCAGAAAGA					
541	GATCAAGAAAAATAGCTAGAAAGAAAGCAACGTTTTTTTTTAAAAGGTATTTAGTGTGAGAAA					
601	AATATTA AAACTGAAGAGAAAGAAATTAATAAGCTTTTCTTGAATGATATTTACATGTC					
661	TTATTAAC TTAAGTCACCTTTTTTCTTTAAGTTGTGCTTGAAGAAAAAAGATGTCTTTC					
721	AGTTTAGTTTTTGATTAATGCTAATTATATTTTAAATTAATTAATACTATATATCTA					
781	TTTACCATATTAATTATTACTATATTTTCATGATGACAACAGACAAGTATTCTAAAGAGGT					
841	ATCGGTAGATGATTAATTTTTTTTATAAAAAAATCTTTTGC GTGTATAGATATTCTTTTAT					
901	AATTGGTGCAGAACTTGTAATGCTAATTGCAATTAATCTTACATTGATTAAC TAATAGC					
961	TATAATCAATATTTAGGTTAGGTATAGGAGACAAATCAAGTGATCTGAACAAATTAAGTT					
1021	GTTATATTTGCATTGTGACAGGGTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACTGATACA					
1081	ATAGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTC					
1141	AATGACATCAAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATT					
1201	CTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTGGTAATTAATAACTCCTAATTAATTCCC					
1261	AACCATTAAAAAGTTGCATGATTGGATTCAAAATTCATGTTATTGGGGTTCTGATATAA					
1321	ATTTGTAATTA AATTGCACTAAAAAAATTATCATATACTTTTAATAAAAAAAATTTATC					
1381	TAATTTAATTTATTATTAAAACTATTTTTTAAAATTCAATCCTAACTCTTTTTTAATCGGA					
1441	GCATGTAAGCTGGCACCCACCGTATATCGTTGGAAGATGCTATAAAACCATTTAATTAAT					
1501	GGATGGAATCAGTCAAAACATTTAATTCAAAATACTCTTAATTGTGATTAGTAATCATGT					
1561	TCGGGCAAGTTACGTTGTGTATAATTAATTTGACTTAATCAGATAAAAAAACAAATGGAC					
1621	GCAAGCCGGTTGGTATAGATATCACTGGCCTGTAGAATATGTGGTTTTTTCACGTTTAAAT					
1681	AAAAGCTAGCTACTATATTATATTTAGTCTTTTTTTTTTCTTAAACCCATTTAACGTGATT					
1741	TATTGACTGTGAAACATGTTTCCACACACAGGCTTAGAACTCCTCGCAACTAACATCTC					
1801	CAAAATTTGACTATTTATTTATGAAGATAATTCATCTATGATGTTCAACTCTATTATATA					
1861	TATGTATCATCGCAGTATTAAGAATTATAATAGTCAAATATAGAAGTATATCGGGTAAAT					
1921	GTAGTTGCATGTGCGACCTGTTTCGTGTAAAATGCTTATTCTATATAGCTTTTTTTTATTG					
1981	GAAAATAACGATGAACTAAAAACGAAAGGGTATCATATAGTTTGACTTTTATGTTAGAGA					
2041	GAGACATCTTAATTTGGTCATATGTTAAATAATTAATTACAATGCATACACAAATATTTA					
2101	TGCCATATCTAAAAAATGATAAAATATCATAGGTATACTCAACTATATGATATCCCCATA					
2161	ACAGAAATTGTACTTTTCTTCAGGCAATGAACTTAACATTTCTGTTTGCTAAAAACAAAC					
2221	ATCCACTTAAAGTGGTTCAACATATTTATGTAATAATTTACAGGGAGGAGGTCCAGGATG					
2281	GCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCTTGCAAATCAAAA					
2341	CCTTCCAGCACCTTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCT					
2401	CAACACCCCTTGATTTAGTTACTCTCAGGTATACATAATCAATTTTTTTATTGCTATTA					
2461	GCTAGCAATAAAAAGTCTCTGATACAGACATATTTAGATAAATTAATTTCTCCATAAACA					
2521	TTTATAATAAAATTATCAATTTATGTACTTAAAAATTATGGATTGAAGCTCTTTTCATCC					
2581	AACTTTTACTAAAGTTAAGGTGCATATAATATAAAATAAACTATCTCTTGTCTTATAA					
2641	AAAGATTGAAGATAAGTTAAAGTCTACTTATAAATCATTAATATATGTATAGGTGGTCAT					
2701	ACGTTTGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACCGATTATACAACCTTCAGCAACACT					
2761	GGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCC					
2821	CAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGAC					
2881	AACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAACTT					
2941	TTCTCCACTCCTGGTGTGATACCATTTCCCATTTGTCAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAA					
3001	ACTTTCTTTTCCAACCTTAGAGTTTCAATGATAAAAAATGGGTAATATTGGAGTGCTGACT					
3061	GGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAATGTAATTTTGTGAATGGAGACTCGTTTGATTGA					
3121	GCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTGCTCAATCTAAATAAACCAAT					
3181	AATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAATTAGGTGTAAACCTCTT					
3241	TGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTGTGCATGTCAATTCGATTTTGCCATG					
3301	TACCTCTTGGAATATTATGTAATAATTATTTGAATCTCTTTAAGGTACTTAATTAATCA					

FIGURE 3A

L78163	-----ATGGGTTCCATGCGT-CTATTAGTAGTGGCATTGTTG	36
U41657	-----	0
X90693	G----GCAAA-CAATGAACTCCCTTCGTGCTGTAGCAATAG-CTTTGTGC	44
X90694	GCTCTTCAAAACAATGAACTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	40
L36156	-----CTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	22
X90692	-----AATGCTTGGT-----CTAAGTGCAACAGCTTTTTTGCTGTATGG	38
L78163	TGT-----GCATTT-GCTATGCATGCAGGTTTTTCAGT---CTCTTATGC	77
U41657	-----	0
X90693	TGTATTGTG-----GTTGTGCTTGGAGGGTTACCCTTCTCTTCAAATGC	88
X90694	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCCTCAGATGC	90
L36156	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCCTCAGATGC	72
X90692	TGT-TTGTGCTAAT-----TGGAGGAGTACCCTTTT---CAAATGC	75
L78163	TCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTA	127
U41657	-----	0
X90693	GCAACTTGATCCATCCTTTTACAGGAACACTTGTCCAAATGTTAGTTCCA	138
X90694	ACAACTTAGTCCCACCTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	140
L36156	ACAACTTAGTCCCACCTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	122
X90692	ACAACTAGATCCTTCATTTTACAACAGTACATGTTCTAATCTTGATTCAA	125
L78163	TTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTCACCGATCCCCGAATCGGG	177
U41657	-----	0
X90693	TTGTTTCGTGAAGTCATAAGGAGTGTTTCTAAGAAAGATCCTCGTATGCTT	188
X90694	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	190
L36156	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	172
X90692	TCGTACGTGGTGTGCTCACAAATGTTTACAATCTGATCCCAGAATGCTT	175
L78163	GCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	227
U41657	-----TTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	29
X90693	GCTAGTCTTGTGAGGCTTCACTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGTGA	238
X90694	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCACTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	240
L36156	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCACTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	222
X90692	GGTAGTCTCATCAGGCTACATTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGCGA	225
L78163	TGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	277
U41657	TGGATCAGTTTTACTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	79
X90693	TGCATCAGTTTTACTAAACAACACTGATACCGTTGTGAGTGAACAAGATG	288
X90694	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	290
L36156	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	272
X90692	TGCCTCGATTTTGCTGAACGATACGGCTACAATAGTGAGCGAGCAAAGTG	275
L78163	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	327
U41657	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	129
X90693	CTTTTCCAAACAGAACTCATTAAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAAATC	338
X90694	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	340
L36156	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGGGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	322
X90692	CACCACCAATAACAACCTCCATAAGAGGTTTGGATGTGATAAACCAGATC	325
L78163	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	377
U41657	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	179
X90693	AAACAGCTGTGGAAAAGGCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	388
X90694	AACTGGCTGTAGAAAGTGCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	390
L36156	AAACTGCTGTAGAAAGTGCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	372
X90692	AAACAGCGGTGGAAAATGCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	375
L78163	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTT-CTGGGAGGAGGTCCAGGA	426
U41657	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTGCTGGGAGGAGGTC-AGGA	228
X90693	TCTTGCTCTTTCTGCTGAATTATCATCTACA-CTGGCAGATGGTCCTGAC	437
X90694	TCTTGCACTTGCTGCTCAAGCATCCTCTGTT-CTGGCACAAGGTCCTAGT	439
L36156	TCTTGCACTTGCT---CAAGCATCCTCTGTT-CTGGCACAAGGTCCTAGT	418
X90692	TCTTGCTCTTTCTGCTGAAATATCATCTGAT-CTGGCAAATGGTCCTACT	424



FIGURE 3A

L78163	TGGCCAGTTCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	475
U41657	TGGCCAGTTCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	278
X90693	TGGAAGGTTCCCTTTAGGAAGAAGAGATGGTTTTAACGGCAAACCGATTACT	487
X90694	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTTAACCGCAAACCGAACACT	489
L36156	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTTAACCGCAAACCGAACACT	468
X90692	TGGCAAGTTCATTAGGAAGAAGGGATAGTTTGACAGCAAATAATTCCCT	474
	*** .*****.*****.*** ** * ** .*** .***** . . . **	
L78163	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	523
U41657	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	325
X90693	TGCTAATCAAAATCTTCCAGCTCC---TTTCAATACTACTGATCAACTTA	534
X90694	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC---ATTCAATTCCTTGGATCAACTTA	536
L36156	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC---ATTCAATTCCTTGGATCACCTTA	515
X90692	TGCAGCTCAAAATCTTCCCTGCCCCCACTTTCAA--CCTTA-CTCGACTAA	521
	*** .*****.*****.*** ** * ** .*** .*** .***	
L78163	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACT	572
U41657	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACT	374
X90693	AAGCTGCATTTG-CTGCTCAAGGTCTCGATACTACTGATCTGGTTGCACT	583
X90694	AAGCTGCATTT-ACTGCTCAAGGCCTCAATACTACTGATCTAGTTGCACT	585
L36156	AA-CTGCATTTGACTGCTCAAGGCCTCATTACTCCTGTTCTAGTTGCCCT	564
X90692	AATCTAACTTTGA-TAATCAAAACCTCAGTACTACTGATCTAGTTGCACT	570
	** ** .*** * .*****.*** ** * ** .*** * .***.*** **	
L78163	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACC	622
U41657	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACC	424
X90693	CTCCGGTGCTCATACTTTGGAAGAGCTCATTGCTCTTTATTGTAGCC	633
X90694	CTCGGGTGCTCATACTTTGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	635
L36156	CTCGGGTGCTCATACTTTGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	614
X90692	CTCAGGTGGCCATACAATTGGAAGAGGTCAATGCAGATTTTTCGTTGATC	620
	*** **** *****.*****.***.***.***.***.***.***.***	
L78163	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACA	672
U41657	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGA----CTGATCCA-CT-TGGACACA	468
X90693	GATTGTACAACTTCAGCGGTACGGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	683
X90694	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	685
L36156	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	664
X90692	GATTATACAATTTAGCAACACTGGAAACCCCGATTCAACTCTTAACACG	670
	****.*****.*****.***.*** * *** ** * ** * .****.	
L78163	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGA	722
U41657	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGA	518
X90693	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	733
X90694	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	735
L36156	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	714
X90692	ACCTATTTACAACAATTGCAAGCAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGTAC	720
	** ** *** ** * ****.*****.***.***.***.***.***.***.***	

FIGURE 3A

L78163	TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	772
U41657	TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	568
X90693	GAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAACT	783
X90694	AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAACT	785
L36156	AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAACT	764
X90692	AAACCTAACCGATTTGGACCCAACCACACCAGATACATTTGACTCCAAC	770
	.***** ***.***** ** * . * **.***.*** *****. * . *	
L78163	ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	822
U41657	ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	618
X90693	ATTACTCTAATCTTCAAGTGAAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	833
X90694	ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	835
L36156	ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	814
X90692	ACTACTCCAATCTCCAAGTTGGAAAGGGCTTGTTTCAGAGTGACCAAGAG	820
	* ***** ***** * . . . . * . * . * . * . * . * . * . *	
L78163	CTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCCCATTGTCAATAGCTTCAG	872
U41657	CGTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCC-ATTGTCAATAGCTTCAG	667
X90693	TTGTTCTCAACATCTGGTTCAGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCGC	883
X90694	TTGTTCTCAACTTCTGGTTCAGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCAG	885
L36156	TTGTTCTCAACTTCTGGTTCAGATACCATTAGCATTGTGACAAATTCAG	864
X90692	CTTTTTTCCAGAAATGTTTCTGACACTATTTCTATTGTCAATAGTTTCGC	870
	. . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *	
L78163	CAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	922
U41657	CG--AACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	715
X90693	AACCGATCAAAAAGCTTTTTTTGAGAGCTTTAGGGCTGCTATGATCAAAA	933
X90694	CACCGATCAAAAATGCTTTTCTTTGAGAGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	935
L36156	CACCGATCAAAAATGCTTTTCTTTGAGAGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	914
X90692	CAATAATCAAACCTCTCTTCTTTGAAAATTTTGTAGCCTCAATGATAAAAA	920
	. * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *	
L78163	TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	972
U41657	TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	765
X90693	TGGGAAATATTGGTGTGTTAACCGGGAACCAAGGAGAGATTAGAAAACAA	983
X90694	TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	985
L36156	TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	964
X90692	TGGGTAATATTGGAGTTTTTAAGTCTCAAGGTGAAATTAGAACACAG	970
	***** ***** . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *	
L78163	TGTAATTTTGTGAA---TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	1007
U41657	TGTAATTTTGTGAA---TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	800
X90693	TGCAACTTTGTTAATT-----CAAAATCAGCAGAACTTGGTCTTAT	1024
X90694	TGCAACTTTGTGAACCTTTGTGAACCTCAAATTCTGCAGAACTAGATTTAGC	1035
L36156	TGCAACTT-----TGTGAACCTCAAATTCTGCAGAACTAGATTTAGC	1005
X90692	TG-----TAATGCTGTGAATGGGAATTCTTC-----TGGATTGGC	1005
	** . . . * . . . *	
L78163	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAAT	1057
U41657	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAAT	850
X90693	CAATGTTGCCTC---AGCAG--ATTCATCTG-AGGAGGGTATGGTTAG--	1066
X90694	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGTATTGCTAGTG	1082
L36156	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGAATTGCTAGTG	1052
X90692	TACTGTAGTCACCAA---AG--AATCATCAG-AAGATGGAATGGCTAGCT	1049
	* . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *	

FIGURE 3A

L78163	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAA	1107
U41657	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCGATGCTAGCTACGATGTAAAGGCAAA	900
X90693	-----CTCAATGTAAA-TG-TAG	1082
X90694	TAATATAAATAAATTAG-----CGTAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1124
L36156	TAATATAAATAAATTAG-----CGAAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1094
X90692	CATTCTAAAT--ATAAG-----CTTGGAATAATTGAAGAGGTTCTAT	1090
	.....*.....	
L78163	TTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	1157
U41657	TTAGGTTG-AAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	949
X90693	T--GATTGGAAGCAACTAA--TAAATTAAGAAGCTATAAC-----T	1119
X90694	T--GACTAGATGCCACTAA--TAAAT---AAGTTATAAC-----T	1157
L36156	T--GACTAGATCCCACTAA--TAAAT---AAGTTATAAC-----T	1127
X90692	A--ATTTTGTGCATACATA--TATGGTATGTG-----	1118
	. . . * . . . * . . . * . . .	
L78163	GTGTGCATGTCAATTTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATAT-----	1200
U41657	GTGTGCGATGTCAATTTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATATTATGTA	998
X90693	ATGCACATT-CATGGTATGTGTGAGATAGTTATTAGATGCTTTGTGAGCA	1168
X90694	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATTTTCATGCCT-GTATATGAG-----	1200
L36156	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATCCTATGCCTTGTATATTAGAGGACG	1177
X90692	-----CATGTGGTGTA--TTATGTTTTTGTATGTTCTTCAAGTTGATCA	1161
	** . . . . * . . . * . . . . . . . . . .	
L78163	-----	1200
U41657	ATAATTATTTGAATCTC-----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	1031
X90693	AAAATCTTTTGGATTTC---ATTGGAAGTGTTTCT----	1200
X90694	-----	1200
L36156	TGT-TCTT-----C-----TTGGTATTATACTA--T	1200
X90692	GGGA-CTGTAGAAGCTCCCTAATAATATTTGTGTCAAAGT	1200

FIGURE 3B

L78163	MGSMRLLVALLCAFAMHAGFSVSY---	AQLTPTFYRETCPNLFPPIVFGV	47
U41657	-----		0
X90693	MNSLRVAIALCCIV--VVLGGLPFSSNAQLDPSFYRNTCPNVSSIVREV		48
X90694	MNSL---ATSMWCVVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV		47
L36156	M-----WCVVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV		40
X90692	MLGLSATA---FCCMVFLIGGVPPS-NAQLDPSFYNSTCSNLDSIVRGV		46
L78163	IFDASFTDPRIGASLMRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPNI		97
U41657	-----FHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPNI		31
X90693	IRSVSKKDPRMLASLVRLHFHDCFVQGCDAVLLNKTDTVVSEQDAFPNR		98
X90694	LTNVSKTDPRMLASLVRLHFHDCFVVGCDASVLLNNTATIVSEQQAFPNR		97
L36156	LTNVSKTDPRMLASLVRLHFHDCFVVGCDASVLLNNTATIVSEQQAFPNR		90
X90692	LTNVSQSDPRMLGSLIRLHFHDCFVQGCDAVLLNNTATIVSEQSAPPNR		96
	*****	***.*.***.*.*.***	***
L78163	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCPDTVSCADILAIAAEIASVLGGGPGWPVPL		147
U41657	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCPDTVSCADILAIAAEIASVAGRRSGWPVPL		81
X90693	NSLRGLDVVNQIKTAVEKACPNTVSCADILALSALSTLADGPDWKVPL		148
X90694	NSLRGLDVVNQIKLAVEVPCPNTVSCADILALAAQASSVLAQGPSWTVPL		147
L36156	NSLRGLDVVNQIKTAVESACPNTVSCADILALA-QASSVLAQGPSWTVPL		139
X90692	NSIRGLDVINQIKTAVENACPNTVSCADILALSALSSDLANGPTWQVPL		146
	**.*.***.*.*.***	***	***
L78163	GRRDSL TANRTLANQNLPAPFFNL TQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTF		197
U41657	GRRDSL TANRTLANQNLPAPFFNL TQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTS		131
X90693	GRRDGLTANQLLANQNLPAPFNTTDQLKAAFAAQGLDTTDLVALSGAHTF		198
X90694	GRRDGLTANRTLANQNLPAPFNSLDQLKAAFTAQGLNTTDLVALSGAHTF		197
L36156	GRRDGLTANRTLANQNLPAPFNSLDHLKLHLTAQGLITPVLVALSGAHTF		189
X90692	GRRDSL TANNSLAAQNLPAPTFNLTRLKSNFDNQNLTSTDLVALSGGHTI		196
	****.*.***.*.*.***	***	***
L78163	GRARCSTFINRLYNFSNTGNPDPTLNTTYLEVLRARCPQNATGDNLTNLD		247
U41657	GRARCSTFINRLYNFSNTGLIH--LDTTYLEVLRARCPQNATGDNLTNLD		179
X90693	GRAHCSLFVSRLYNFSGTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD		248
X90694	GRAHCAQFVSRLYNFSSTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD		247
L36156	GRAHCAQFVSRLYNFSSTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD		239
X90692	GRGQCRFFVDRLYNFSNTGNPDSTLNTTYLQTLQAICPNGGPGTNLTDL		246
	**.*.*.*.***.*.*.***	***	***
L78163	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQELFSTPGADTIPIVNSFSSNQNTF		297
U41657	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQERFSTPGADTIPLSIA-SANQNTF		228
X90693	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGSDTISIVNKFATDQKAF		298
X90694	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVNKFSTDQNAF		297
L36156	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVDKFSTDQNAF		289
X90692	PTTPDTFDSNYYSNLQVGKGLFQSDQELFSRNGSDTISIVNSFANNQTLF		296
	***.*.*.***.*.*.***	***	***
L78163	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN----	GDSFGLASVAS-K	341
U41657	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN----	GDSFGLASVAS-K	272
X90693	FESFRAAMIKMGNIGVLTGNQGEIRKQCNFVN--	SKSAELGLINVAS-A	344
X90694	FESFKAAMIKMGNIGVLTGKGEIRKQCNFVN	FVNSNSAELDLATIASIV	347
L36156	FESFKAAMIKMGNIGVLTGKGEIRKQCNFVN--	SNSAELDLATIASIV	336
X90692	FENFVASMIMGNIGVLTGSQGEIRTQCNFVN----	GNSSGLATVVT-K	340
	*.*.*.*.***.*.*.***	***	***
L78163	DAKQKLVAQSK	352	
U41657	DAKQKLVAQSK	283	
X90693	DSSEEGMVSSM	355	
X90694	ESLEDGIASVI	358	
L36156	ESLEDGIASVI	347	
X90692	ESSEDGMASF	351	
	..	..	..



FIGURE 4

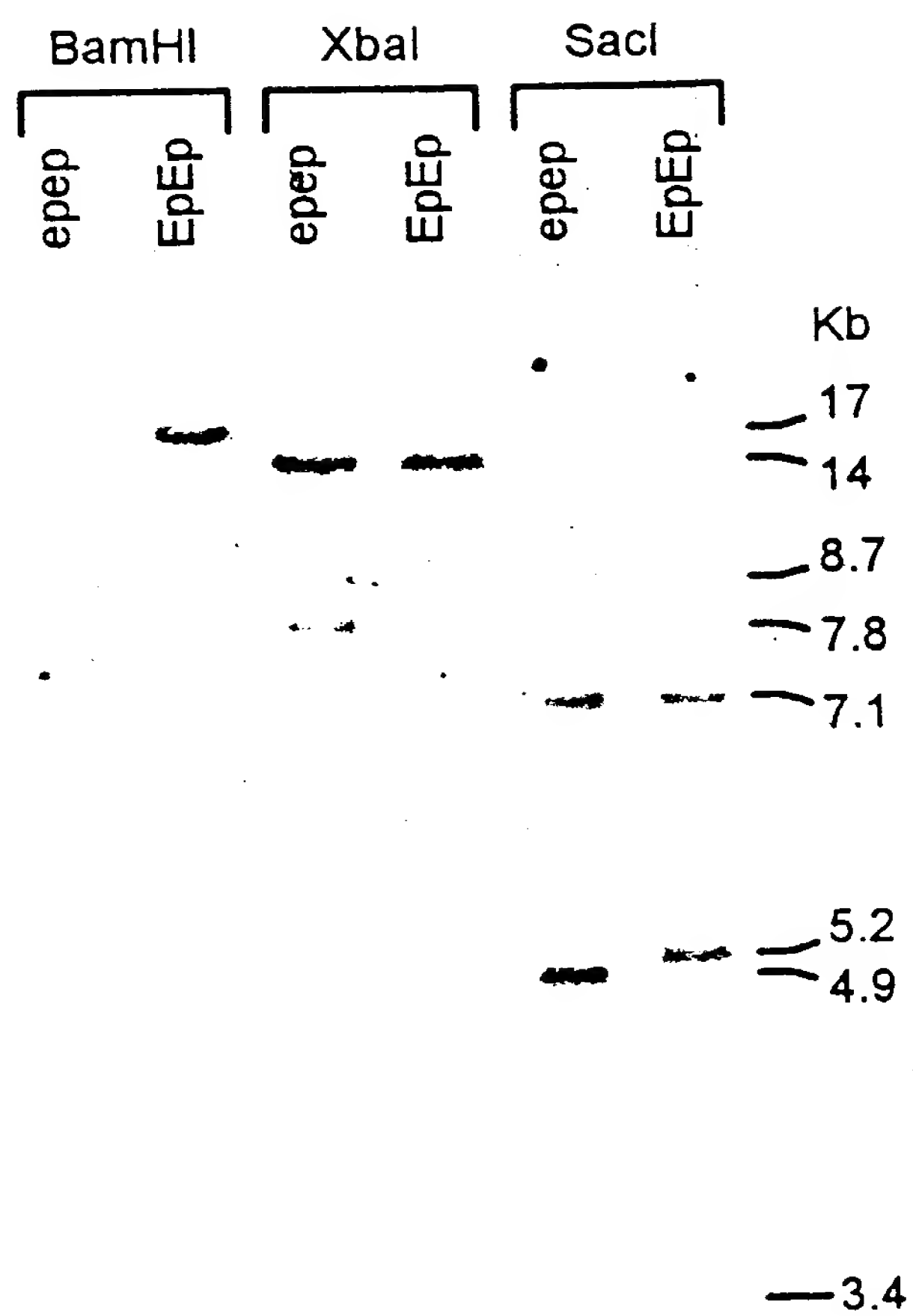


FIGURE 5

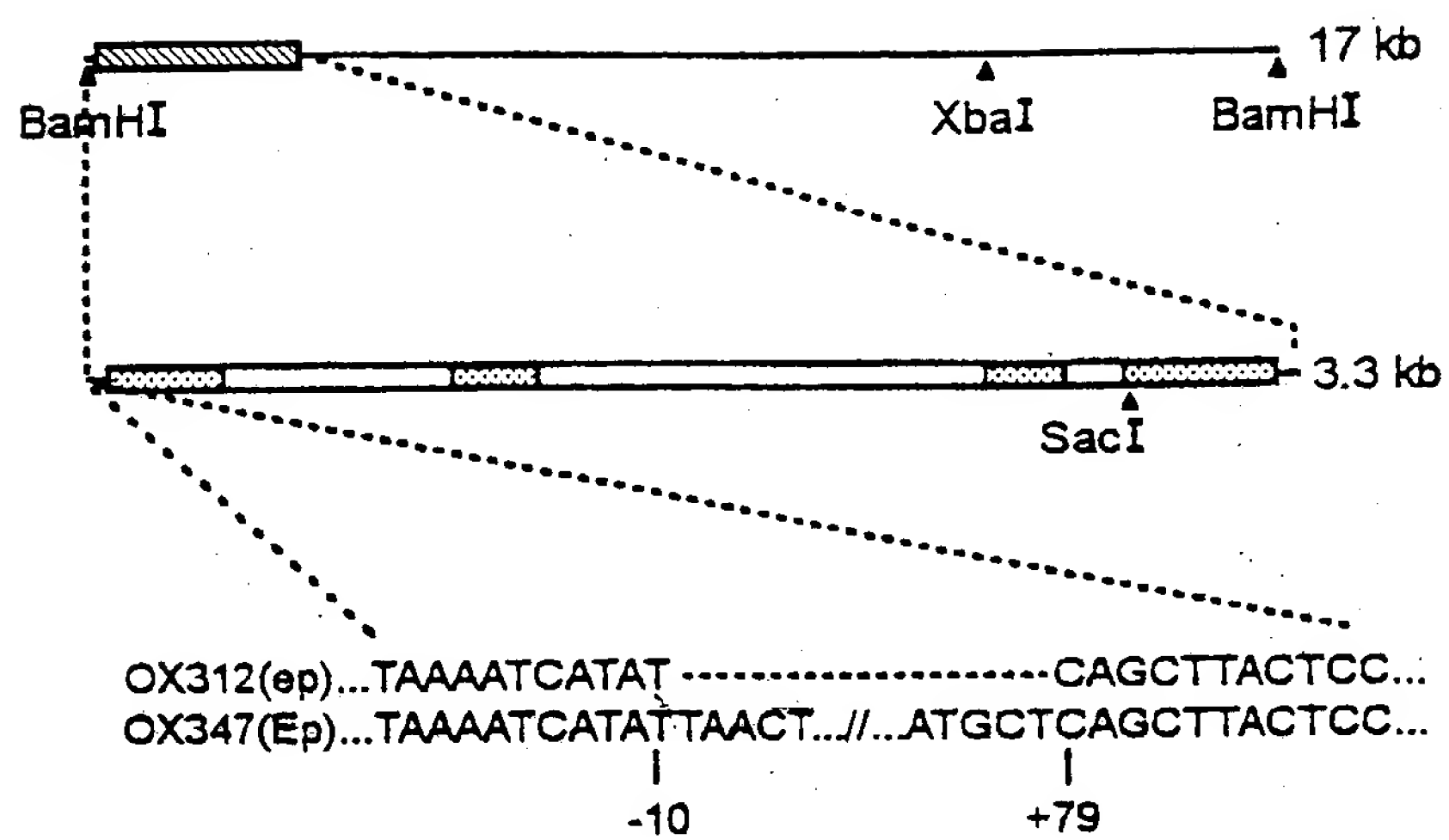


FIGURE 6

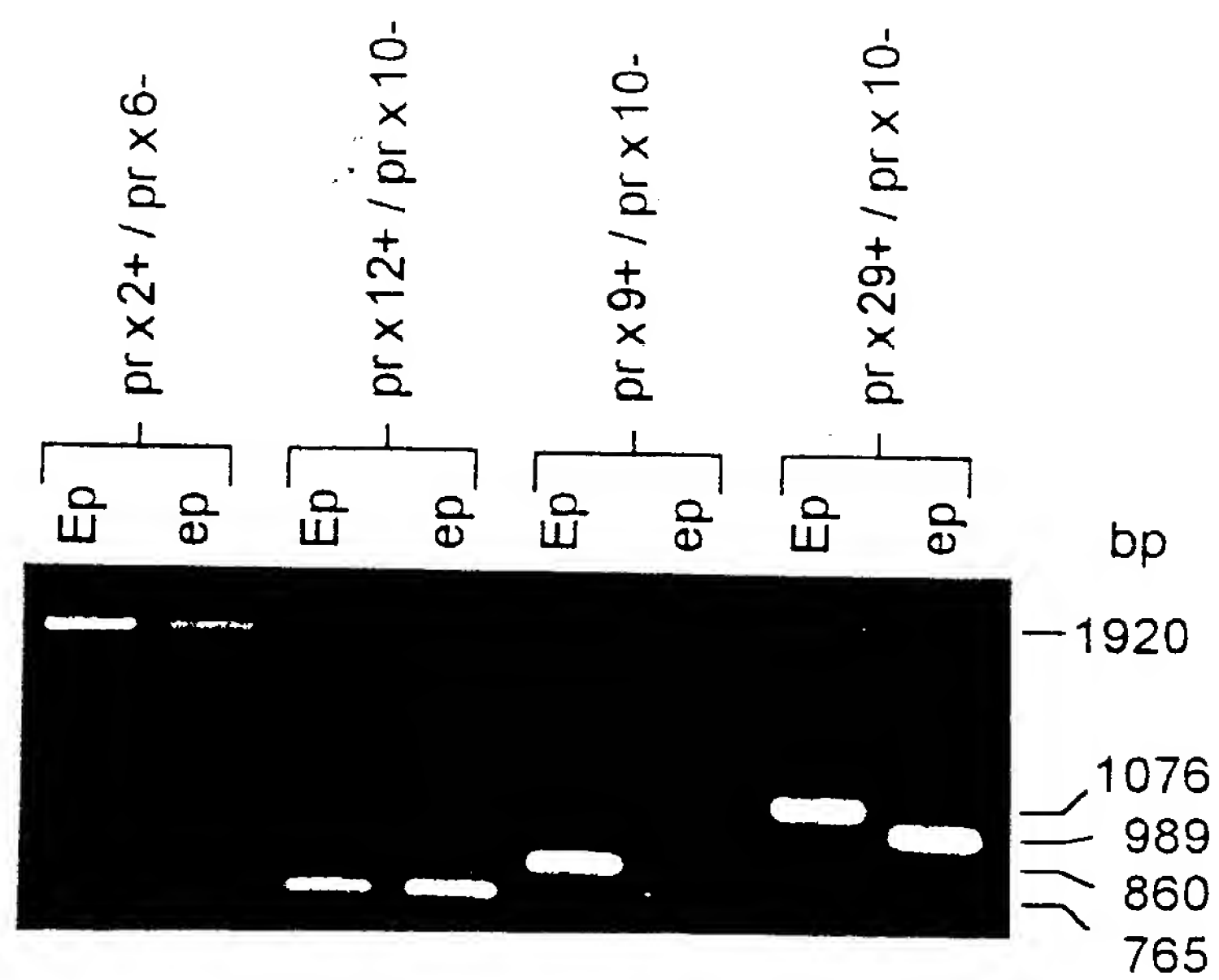


FIGURE 7

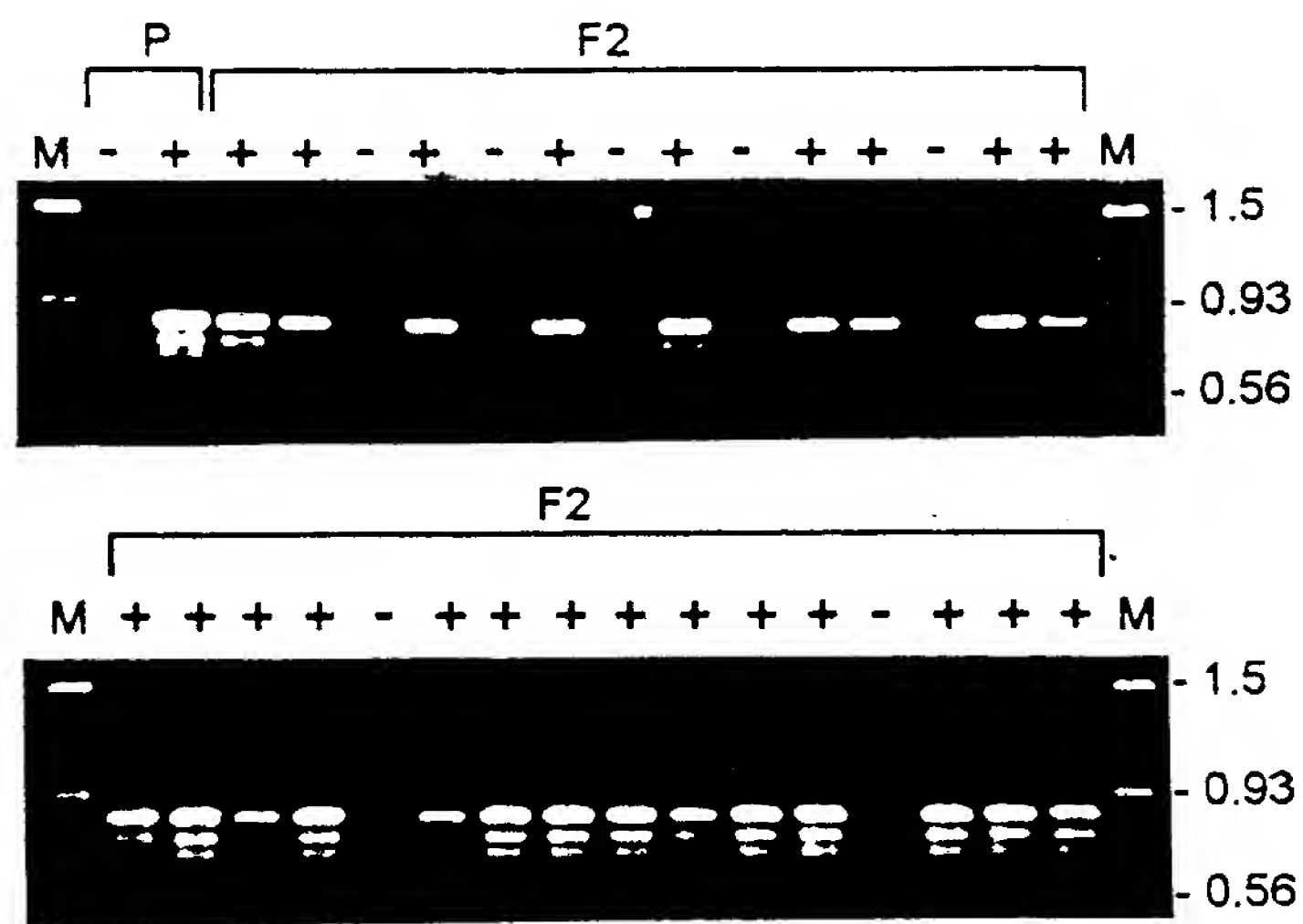


FIGURE 8

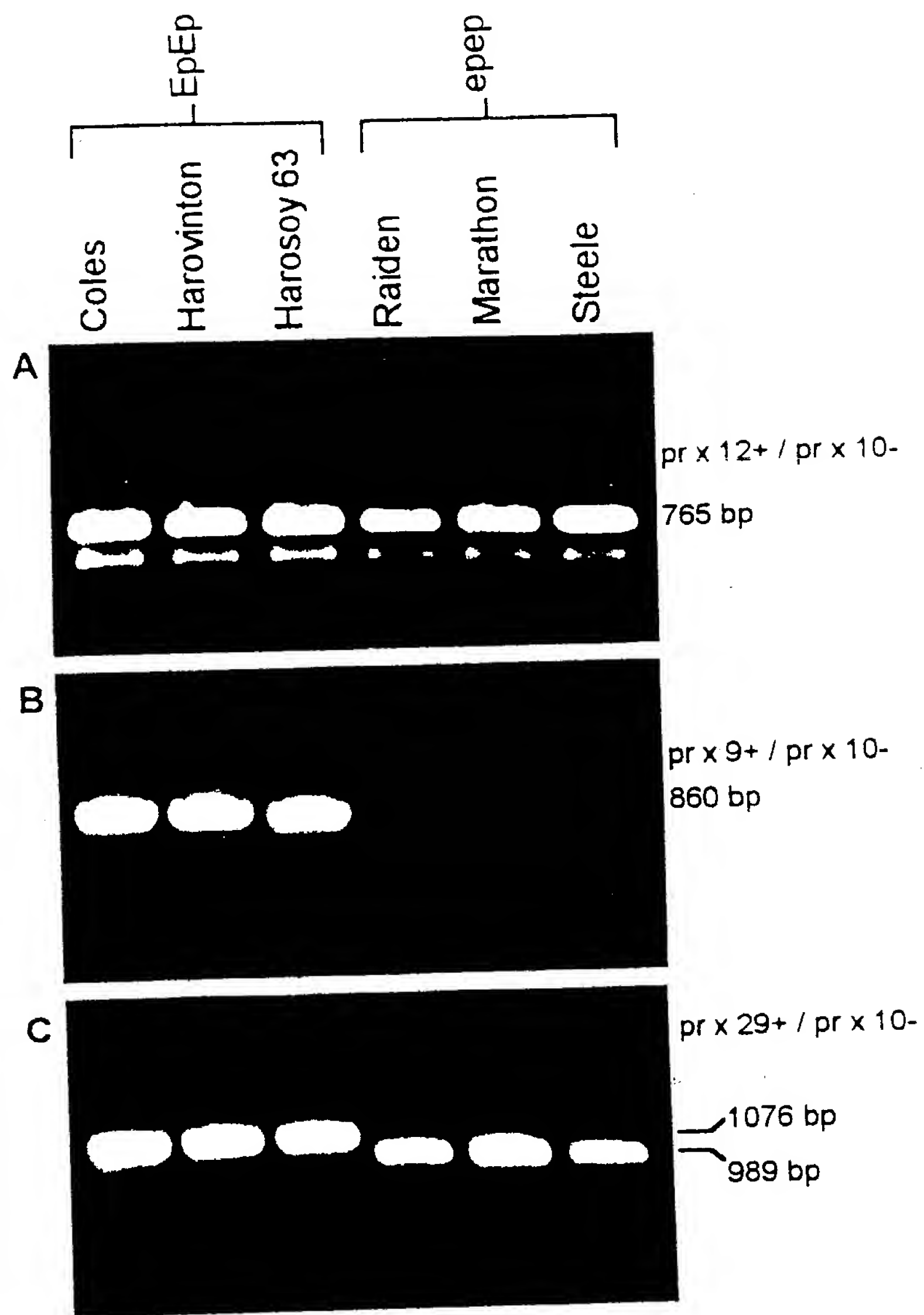
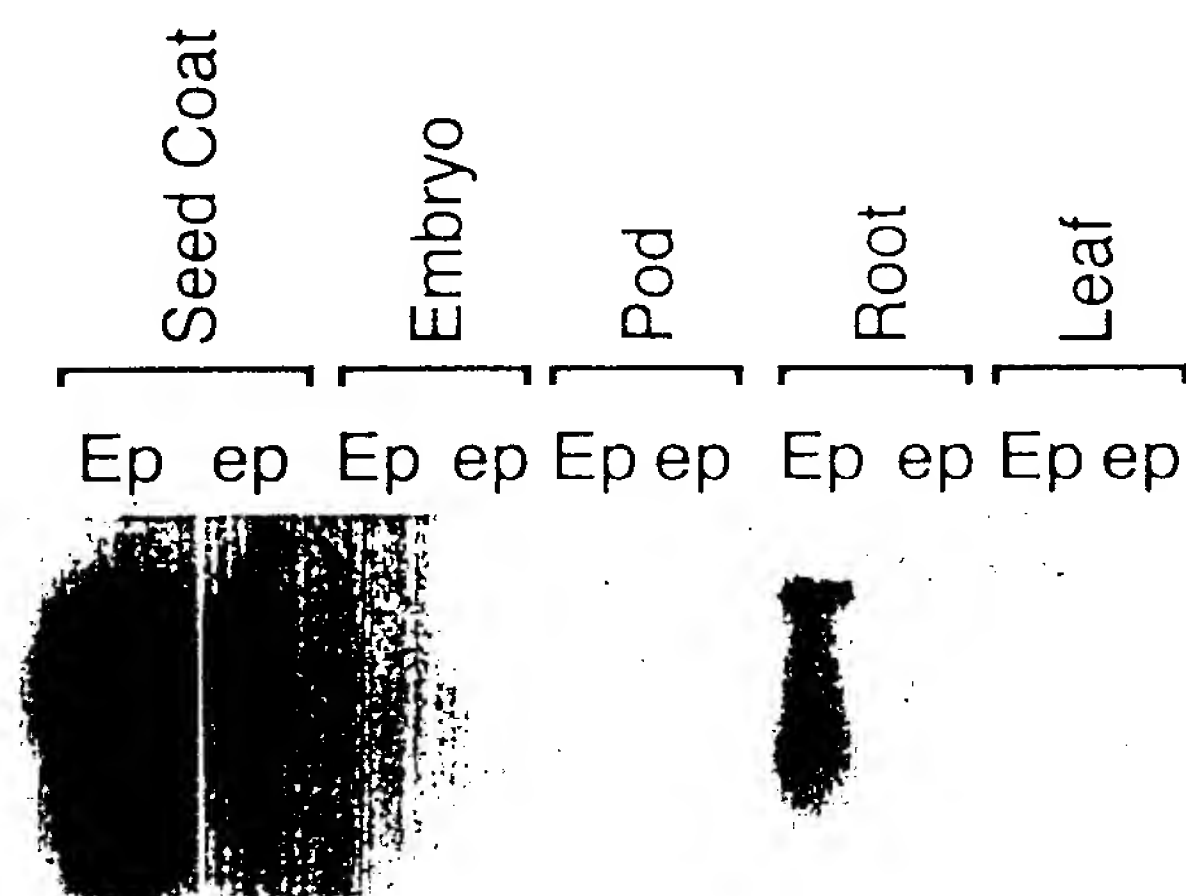




FIGURE 9

A



B

